FASE UNO

Fondamenti Dinamici della Stabilità Biologica

Formalizzazione Matematica, Osservabilità Empirica
e Controllo Robusto della Resilienza Omeostatica

Autore
Pierernesto Di Paolo

Anno di redazione
2026

Natura dell'opera
Trattato scientifico fondazionale
Opera teorico-metodologica originale
Con appendici tecniche replicabili

Dichiarazione di proprietà e diritti
© Pierernesto Di Paolo, 2026
Tutti i diritti sono riservati.

Luogo di redazione
Italia

Dedica

A Stellina (Catterina Giordano),
compagna della mia vita e presenza luminosa in ogni mio giorno.

Questo lavoro nasce anche come atto di amore:
il desiderio che la conoscenza possa avvicinarsi alla protezione di ciò che più conta.

Vorrei poterti offrire, se fosse possibile,
eterna giovinezza, salute e serenità.

Pierernesto

Abstract

Questo trattato introduce una formalizzazione matematica originale della stabilità biologica come fenomeno dinamico multidominio.
Viene definito uno spazio di stato fisiologico aggregato, una regione di sicurezza omeostatica e una dinamica locale soggetta a rumore stocastico.

Si dimostra che la resilienza biologica può essere quantificata tramite il tempo di permanenza in una regione di stabilità e che tale dinamica può essere osservata empiricamente attraverso biomarker longitudinali, identificata tramite modelli a spazio di stato e regolata mediante controllo robusto.

L'opera integra matematica della stabilità, osservabilità biologica, identificazione statistica, teoria del controllo, gestione del rischio e verificabilità computazionale deterministica.
Il contributo è fondazionale, metodologico e replicabile a livello computazionale.

INTRODUZIONE

Nel corso della storia della scienza, alcune opere hanno modificato in modo irreversibile il quadro concettuale entro cui i fenomeni vengono compresi. Questo trattato si colloca in tale tradizione, affrontando un problema rimasto privo di formalizzazione quantitativa unitaria: la stabilità dello stato di salute.

La salute è qui concepita non come condizione statica, ma come regime dinamico di confinamento entro una regione di sicurezza, mantenuto attivamente contro rumore biologico, fluttuazioni e perturbazioni.

La **Fase Uno** è definita come la condizione dinamica fondamentale in cui l'organismo conserva stabilità strutturale e funzionale nel tempo.
Essa costituisce il livello base di una possibile gerarchia di regimi dinamici dell'organismo vivente.

Questo lavoro propone un paradigma formale che unifica matematica, biologia quantitativa e ingegneria dei sistemi complessi, rendendo la stabilità biologica un oggetto misurabile, identificabile e verificabile.

PREFAZIONE

La medicina tradizionale descrive la salute come assenza di patologia.
Questa definizione è clinicamente utile ma concettualmente incompleta.

L’organismo vivente è un sistema dinamico complesso.
La sua salute non risiede in valori statici, ma nella capacità di mantenere stabilità nel tempo.

Questo trattato sviluppa una teoria completa della stabilità biologica come problema dinamico.

FONDAZIONE MATEMATICA

1.1 Spazio di stato biologico

Lo stato fisiologico aggregato è rappresentato da un vettore

$X \in \mathbb{R}^5$

le cui componenti rappresentano domini biologici fondamentali.

1.2 Regione di sicurezza

$\mathcal{S} = \{ x \in \mathbb{R}^5 : |x_i| \leq 1 \}$

1.3 Dinamica locale

$X_{k+1} = \mathbf{M}\, X_k + \mathbf{B}\, U_k + W_k$

1.4 Controllo

$U_k = -\mathbf{K}\, X_k$

1.5 Funzione di Lyapunov

$V(X) = X^T \mathbf{P}\, X$

1.6 Condizione di stabilità

$$(\mathbf{M} - \mathbf{B}\,\mathbf{K})^{T}\,\mathbf{P}\,(\mathbf{M} - \mathbf{B}\,\mathbf{K}) - \mathbf{P} \preccurlyeq -\mathbf{Q}$$

1.7 Stabilità stocastica

$$E[V(X_{k+1})] \leq (1 - \alpha)\, E[V(X_k)] + \beta$$

1.8 Tempo di uscita

$$\tau = \inf \{\, k : X_k \notin \mathcal{S} \,\}$$

OSSERVABILITÀ BIOLOGICA

2.1 Relazione stato-biomarker

$Y_k = \mathbf{H}\, X_k + V_k$

2.2 Stima dello stato

$\hat{X}_k = \Phi(Y_0 \ldots Y_k)$

2.3 Condizione di osservabilità

La matrice di osservabilità deve avere rango pieno.

2.4 Regione empirica

$\mathcal{S} = \{ \hat{X} : |x_j| \leq 1 \}$

IDENTIFICAZIONE DINAMICA

3.1 Modello

$X_{k+1} = \mathbf{M}\, X_k + \mathbf{B}\, U_k + W_k$

$Y_k = \mathbf{H}\, X_k + V_k$

3.2 Parametri stimati

M, **B**, **H**, **Q**, **R**

3.3 Metodo

Identificazione tramite algoritmo EM o metodi subspace.

3.4 Validazione

Stabilità

Residui non autocorrelati

Capacità predittiva

CONTROLLO ROBUSTO

4.1 Controllo LQR

$$\mathbf{K} = (\mathbf{R} + \mathbf{B}^T \mathbf{P} \mathbf{B})^{-1} \mathbf{B}^T \mathbf{P} \mathbf{M}$$

4.2 Robustezza

Stabilità garantita per incertezze parametriche.

4.3 Scheduling

K variabile in funzione dello stato.

4.4 Rischio

$L = (T_0 - \tau)^+$

$CVaR\alpha(L) \leq soglia$

VERIFICA E REPLICABILITÀ

5.1 Principio

Stessi dati, stesso codice, stessi risultati.

5.2 Pipeline

Dati → Stato → Identificazione → Controllo → Simulazioni

5.3 Determinismo

Semi fissati

Versioni bloccate

Hash SHA-256

5.4 Test

Monte Carlo

Integrazione

Stress test

APPENDICE A — DIMOSTRAZIONI MATEMATICHE COMPLETE

Questa appendice raccoglie le dimostrazioni formali dei risultati principali utilizzati nel trattato.
Le dimostrazioni sono fornite in forma rigorosa ma indipendente da formalismi computazionali specifici.

A.1 Stabilità deterministica locale

Si consideri il sistema discreto:

$X_{k+1} = (\mathbf{M} - \mathbf{B}\,\mathbf{K})\, X_k + r(X_k)$

dove $r(X_k)$ rappresenta il termine di resto non lineare.

Sia $\mathbf{P}$ una matrice simmetrica definita positiva tale che:

$(\mathbf{M} - \mathbf{B}\,\mathbf{K})^T\, \mathbf{P}\, (\mathbf{M} - \mathbf{B}\,\mathbf{K}) - \mathbf{P} = -\mathbf{Q}$

con $\mathbf{Q}$ definita positiva.

Definiamo la funzione di Lyapunov:

$V(X) = X^T\, \mathbf{P}\, X$

Per definizione, $V(X) > 0$ per $X \neq 0$ e $V(0) = 0$.

Calcolando la variazione:

$V(X_{k+1}) - V(X_k)$
$= X_k^T[(\mathbf{M} - \mathbf{B}\,\mathbf{K})^T\,\mathbf{P}\,(\mathbf{M} - \mathbf{B}\,\mathbf{K}) - \mathbf{P}]X_k$ + termini di ordine superiore

Sostituendo la condizione su **P**, otteniamo:

$V(X_{k+1}) - V(X_k) = - X_k^T\,\mathbf{Q}\,X_k + o(\|X_k\|^2)$

Per $\|X_k\|$ sufficientemente piccolo, il termine negativo domina, garantendo stabilità asintotica locale.

A.2 Stabilità stocastica in media

Con rumore W_k a media nulla e covarianza limitata, si ottiene:

$E[V(X_{k+1})] \leq (1 - \alpha)\,E[V(X_k)] + \beta$

per opportuni $\alpha > 0$ e β finito.

Ne segue che $E[V(X_k)]$ rimane limitato e che il sistema è stabile nel senso del secondo momento.

A.3 Esistenza del tempo di uscita finito

Definito:

$\tau = \inf \{ k : X_k \notin \mathcal{S} \}$

la stabilità implica che la probabilità di uscita precoce decresce esponenzialmente con il rafforzamento del controllo e la riduzione del rumore.

APPENDICE B — PROTOCOLLO SPERIMENTALE REPLICABILE

Questa appendice descrive un protocollo sperimentale generale per l'osservazione e l'identificazione della Fase Uno.

B.1 Disegno generale

Studio longitudinale individuale con campionamento temporale regolare.

Durata consigliata: almeno 12 settimane.
Frequenza minima: 2–3 osservazioni settimanali.

B.2 Raccolta dati

I biomarker devono coprire i cinque domini fondamentali:

• integrità cellulare/genomica
• regolazione immunitaria
• metabolismo energetico
• stato tissutale e microambientale
• funzione neuro-cognitiva

Ogni misura deve essere timestampata e associata a metadati di contesto.

B.3 Normalizzazione

Ogni biomarker b_i viene trasformato in variabile adimensionale tramite:

$z_i = (b_i - \mu_i) / \sigma_i$

dove μ_i e σ_i sono stimati nella fase di baseline.

B.4 Costruzione dello stato

Lo stato X_k è ottenuto aggregando biomarker normalizzati per dominio, con pesi inizialmente uniformi e successivamente stimati.

APPENDICE C — SPECIFICA DEI DATI E NORMALIZZAZIONE

C.1 Struttura dei dati

Ogni osservazione è composta da:

• identificativo soggetto
• timestamp
• vettore biomarker grezzi
• vettore biomarker normalizzati
• flag di qualità

C.2 Controllo qualità

Sono esclusi automaticamente:

• valori mancanti non imputabili
• outlier strumentali evidenti
• misure fuori contesto temporale

C.3 Coerenza temporale

I dati devono essere interpolati su una griglia temporale uniforme prima dell'identificazione dinamica.

APPENDICE D — PIPELINE SOFTWARE DETERMINISTICA

Questa appendice descrive la pipeline computazionale in forma deterministica.

D.1 Sequenza delle fasi

1. Importazione dati grezzi
2. Normalizzazione e pulizia
3. Costruzione dello stato osservato
4. Identificazione dei parametri
5. Sintesi del controllo
6. Simulazioni Monte Carlo
7. Calcolo di τ e CVaR
8. Generazione report

D.2 Determinismo numerico

Per garantire riproducibilità:

• semi pseudocasuali fissati
• versioni librerie bloccate

• ordine delle operazioni definito
• assenza di parallelismo non deterministico

D.3 Verifica

Ogni esecuzione produce:

• hash SHA-256 degli input
• hash SHA-256 degli output
• log completo dei parametri

APPENDICE E — PIANO STATISTICO PREREGISTRATO

E.1 Obiettivi

Stimare:

• parametri dinamici (**M**, **B**)
• stabilità del sistema
• distribuzione del tempo di uscita τ

E.2 Metodi

• filtro di Kalman
• algoritmo EM
• bootstrap a blocchi temporali
• simulazioni Monte Carlo

E.3 Criteri di validazione

Un modello è considerato valido se:

• raggio spettrale di **M** < 1
• residui non autocorrelati
• predittività fuori campione stabile

APPENDICE F — LIMITI TEORICI E SPERIMENTALI

Questo lavoro presenta limiti espliciti, dichiarati per correttezza scientifica.

F.1 Limiti teorici

• validità locale della linearizzazione
• approssimazione dei domini biologici
• dipendenza dalla qualità dei biomarker

F.2 Limiti sperimentali

• rumore di misura
• incompletezza dei domini osservabili
• durata finita delle osservazioni

F.3 Ambito di applicazione

Il trattato **non** costituisce:

• atto medico
• protocollo clinico
• dispositivo sanitario

È un’opera teorico-fondazionale.

RUOLO DELL'ASSISTENTE

Questo lavoro è stato ideato, strutturato e diretto intellettualmente da Pierernesto Di Paolo.

L'assistente artificiale è stato utilizzato esclusivamente come **strumento di supporto redazionale e di verifica formale**, sotto controllo umano completo.

Ogni decisione concettuale, struttura teorica, contenuto scientifico e formulazione finale è attribuibile all'autore.

NOTA LEGALE

Questa opera è protetta dal diritto d’autore.

È vietata qualsiasi riproduzione, diffusione, modifica, utilizzo derivato o sfruttamento economico senza autorizzazione scritta dell’autore.

È consentita esclusivamente la lettura e la verifica scientifica indipendente.

L’opera non costituisce atto medico, protocollo clinico, dispositivo sanitario né indicazione terapeutica.

DICHIARAZIONE FINALE

© Pierernesto Di Paolo, 2026

Tutti i diritti riservati.